6-О

УДК 519.6:004.93

А.А. Олейник, С.А. Субботин
Запорожский национальный технический университет, Украина
subbotin@zntu.edu.ua

Метод оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий для решения задачи отбора информативных признаков при построении распознающих моделей

Решена задача автоматизации поиска наиболее информативной комбинации признаков. Предложен метод отбора информативных признаков на основе моделирования перемещения бактерий. Проведены эксперименты по выделению набора информативных признаков для синтеза распознающих моделей хронического бронхита.

Введение

Одним из новейших направлений искусственного интеллекта являются мультиагентные методы интеллектуальной оптимизации, имеющие бионическую природу, которые моделируют поведение живых существ, характеризующихся коллективным интеллектом [1].

К мультиагентным методам интеллектуальной оптимизации относятся: метод муравьиных колоний, метод пчелиной колонии, метод оптимизации с группировкой частиц и др. Данные методы уже нашли широкое применение при решении различных задач оптимизации [2-6].

Одним из наименее изученных на сегодняшний день методов интеллектуальной оптимизации является метод оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий (Bacteria Foraging Optimization, BFO), возможности которого ещё не до конца исследованы. В связи с этим актуальной является разработка новых методов оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий.

Построение моделей сложных объектов и процессов является крайне важной задачей, часто возникающей на практике. При решении задачи моделирования особенно для объектов, характеризующихся многомерностью, необходимо выполнить отбор информативных признаков, позволяющий снизить избыточность создаваемых моделей. Для решения задачи отбора информативных признаков предложен ряд методов, основанных на полном или сокращённом переборе [7], которые при больших выборках данных работают слишком долго. Поэтому разработка новых методов, позволяющих решать задачу отбора информативных признаков, является весьма актуальной.

Поскольку метод оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий является новым и весьма перспективным методом поиска, а также ещё не применялся для решения данной задачи, то **целью настоящей работы** является создание метода отбора информативных признаков на основе моделирования перемещения бактерий.

Метод оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий (Bacteria Foraging Optimization, BFO)

Метод BFO основан на моделировании поведения бактерии E. Coli [8-10]. Способность бактерии E. Coli двигаться обеспечивается за счёт шести или более жгутиков, которые вращаются с частотой 100 – 200 оборотов в секунду, каждый из которых управляется с помощью своего собственного биологического «мотора».

Хемотаксис – это двигательная реакция бактерии в ответ на появление в среде аттрактанта (аттрактант – вещество, привлекающее бактерии) или репеллента (репеллент – вещество, отпугивающее бактерий) [11], [12]. В естественных условиях аттрактантами являются вещества, полезные для бактерий, а репеллентами – те, которые бактериям вредны.

Метод BFO [13] предназначен для нахождения минимума функции $J(X)$, $X \in R^p$ при неизвестном градиенте $\nabla J(X)$, где X – позиция бактерии в пространстве поиска R^p, а с помощью $J(\theta)$ моделируются полезные и вредные свойства среды. Таким образом, $J < 0$, $J = 0$, $J > 0$ означает, что бактерия находится в полезной, нейтральной и вредной среде соответственно. Пусть $P(j, k, l) = \{X^i(j, k, l), i = 1, 2, \ldots, S\}$ описывает позицию каждого члена популяции S бактерий на j-м хемотаксическом шаге, k-м шаге воспроизведения и на l-м событии исключения – рассеивания.

Пусть d_{attract} – глубина аттрактанта (полезных веществ) клетки и w_{attract} – мера ширины аттрактанта. Пусть $h_{\text{repellant}} = d_{attract}$ – высота вредного вещества (репеллент) и $w_{\text{repellant}}$ – мера ширины репеллента. Таким образом, можно использовать функции $J^i_{cc}(X)$, $i = 1, 2, \ldots, S$ для моделирования сигналов между клетками посредством выделения бактериями аттрактанта и репеллента [14]:

$$J_{cc}(X) = \sum_{i=1}^{S} J^i_{cc} = \sum_{i=1}^{S}\left[-d_{attract}\exp\left(-w_{attract}\sum_{j=1}^{p}(X_j - X^i_j)^2\right)\right] + \sum_{i=1}^{S}\left[h_{repellent}\exp\left(-w_{repellent}\sum_{j=1}^{p}(X_j - X^i_j)^2\right)\right],$$

где $X = [x_1, \ldots, x_p]^{\mathrm{T}}$ – точка в пространстве оптимизации.

Очевидно, что сила выделения химических веществ бактериями зависит от окружающей среды, т.е. бактерия, находящаяся в среде с высокой концентрацией полезных веществ, будет выделять более сильный аттрактант, чем та же бактерия в области с низкой концентрацией полезных веществ. Поэтому в данном методе используется функция $J_{ar}(\theta)$ для моделирования взаимодействия между ячейками с учётом особенностей окружающей среды: $J_{ar}(X) = \exp(M - J(X))J_{cc}(X)$, где M – настраиваемый параметр. Следовательно, для поиска оптимума необходимо минимизировать выражение $(J(i, j, k, l) + J_{ar}(X^i(j, k, l)))$, что позволяет бактериям искать полезные вещества, избегая областей с вредными веществами, и в то же время приближаясь к другим ячейкам, но не слишком близко к ним.

Тогда работу метода оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий [13], [15] можно представить в виде последовательности шагов 1 – 14.

Шаг 1. Инициализация. Задать параметры метода: S – количество бактерий, N_{re} – количество шагов воспроизведения, N_s – количество шагов-повторений на одном хемотаксическом шаге, N_c – количество хемотаксических шагов, N_{ed} – количество событий исключения-рассеивания; P_{ed} – вероятность рассеивания. Случайным образом распределить начальные значения X^i, $i = 1, 2, \ldots, S$ по пространству поиска. Рассчитать начальные значения целевой функции для каждой бактерии J^i. Для каждой бактерии выполняется пересчёт: $J_i = J_i + J_{ar}(X_i)$.

Шаг 2. Установить: $l = l + 1$.

Шаг 3. Установить: $k = k + 1$.

Шаг 4. Установить: $j = j + 1$.

Шаг 5. Для каждой бактерии моделируется хемотаксис: кувыркание, перемещение и скольжение (шаги 5.1 – 5.5).

Шаг 5.1. Установить: $i = i + 1$.

Шаг 5.2. Кувыркание. Моделирование кувыркания достигается за счёт генерации вектора случайных чисел $\varphi(j) \in R^p$:

$$\varphi = \frac{\Delta}{\sqrt{\Delta^T \Delta}},$$

где Δ – вектор случайных чисел в интервале [–1; 1].

Вектор φ представляет собой множество длин для соответствующих измерений.

Шаг 5.3. Перемещение. Рассчитывается новое положение i-й бактерии по формуле:

$$X^i(j + 1, k, l) = X^i(j, k, l) + C(i)\varphi(j),$$

где $C(i) > 0$ – размер шага в определённом направлении, позволяющий моделировать процесс кувыркания.

Для новой позиции $X^i(j + 1, k, l)$ рассчитывается соответствующее значение целевой функции $J(i, j + 1, k, l)$. Установить: $J(i, j + 1, k, l) = J(i, j + 1, k, l) + J_{ar}(X^i(j + 1, k, l))$. Если $J(i, j + 1, k, l) < J_{best}$, тогда установить: $J_{best} = J(i, j + 1, k, l)$, $X_{best} = X^i(j + 1, k, l)$.

Шаг 5.4. Скольжение. Если в позиции $X^i(j + 1, k, l)$ значение $J(i, j + 1, k, l)$ лучше, чем в позиции $X^i(j, k, l)$, то есть выполняется условие: $J(i, j + 1, k, l) < J(i, j, k, l)$, тогда производится следующий хемотаксический шаг с тем же вектором φ и в том же направлении (переход к шагу 5.3), и такое повторение может повторяться N_s раз. Если условие не выполняется, то переход к шагу 5.5.

Шаг 5.5. Если $i < S$, то переход к шагу 5.1, в противном случае – переход к шагу 6.

Шаг 6. Если $j < N_c$, то переход к шагу 4, в противном случае – переход к шагу 7.

Шаг 7. Воспроизведение. Менее здоровые бактерии умирают, а остальные, более здоровые, разделяются на две бактерии, при этом новые бактерии размещаются в ту же самую точку пространства поиска.

Шаг 8. Если $k < N_{re}$, тогда выполняется переход к шагу 3, в противном случае – переход к шагу 9.

Шаг 9. Исключение и рассеивание. Каждая бактерия с вероятностью P_{ed} размещается в случайно выбранной точке пространства поиска.

Таким образом, проверяется условие: $U^i < P_{ed}$, где U^i – случайное число в интервале [0; 1] для i-й бактерии. Если данное условие выполняется, то бактерия помещается в позицию $X^i(j, k, l)$, полученную случайным образом.

Шаг 10. Если $l < N_{ed}$, тогда выполняется переход к шагу 2, в противном случае – к шагу 11.

Шаг 11. Выбирается и сохраняется лучшее решение J_{best} и соответствующая позиция X_{best}, в которой достигается лучшее решение J_{best}.

Шаг 12. Проверка на окончание поиска. Если были выполнены все циклы для всех бактерий, то выполняется переход к шагу 14, в противном случае выполняется перезапуск – переход к шагу 13.

Шаг 13. Перезапуск бактерий: выбираются новые случайные позиции для каждого агента X^i, $i = 1, 2, ..., S$, и рассчитываются соответствующие значения целевой функции J^i, $i = 1, 2, ..., S$. Устанавливаются счётчики циклов: $j = 0$, $k = 0$, $l = 0$.

Шаг 14. Останов.

Метод оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий применялся для решения различных задач оптимизации: нахождения оптимального потока энергии [16], задачи динамического распределения ресурсов [14] и др. [17-19]. Результаты проведенных экспериментов по решению тестовых задач [14], [16-19] показали, что применение метода является эффективным и весьма перспективным для решения практических задач, поскольку результаты, полученные с помощью данного метода, характеризовались более высокой или достаточной точностью по сравнению с традиционными методами.

Отбор признаков на основе моделирования перемещения бактерий

Задача отбора информативных признаков заключается в выборе такого набора признаков минимального размера, которые наиболее полно характеризуют изучаемый сложный объект или процесс, что позволяет избежать использования в распознающих моделях лишних признаков.

Для решения задачи отбора информативных признаков на основе метода моделирования перемещения бактерий программные агенты, моделирующие поведение бактерий, должны осуществлять оптимизацию в пространстве поиска $X = (x_1, x_2, \ldots, x_N)$, $x_i = \{0, 1\}$, где N – общее количество признаков, характеризующих выборку. Таким образом, каждая точка пространства поиска представляет собой битовую строку, координаты которой позволяют определить, считается ли признак информативным: информативным считается признак, если соответствующая координата равна 1, в противном случае – признак считается неинформативным. В качестве целевой функции $J(X)$ предлагается использовать ошибку модели, построенной на основе признаков, которые являются информативными для данной точки пространства поиска.

Для выполнения перемещения по такому пространству поиска величины, определяющие процесс движения в пространстве поиска должны принимать следующие значения:

– переменные, определяющие размер шага в определённом направлении, для i-й бактерии: $C(i) \in (0; 1)$;

– вектор случайных чисел на j-м шаге хемотаксиса: $\varphi(j) = \{-1, 0, +1\}$.

Пример перемещения по пространству поиска из трёх признаков, если бактерия в начале поиска находилась в точке (0; 0; 0), вектор размера шага для данной бактерии $C = (1; 1; 1)$, вектор случайных чисел на 1-м шаге хемотаксиса $\varphi(1) = (1; 0; +1)$, а на 2-м шаге $\varphi(1) = (-1; +1; 0)$, приведен на рис. 1.

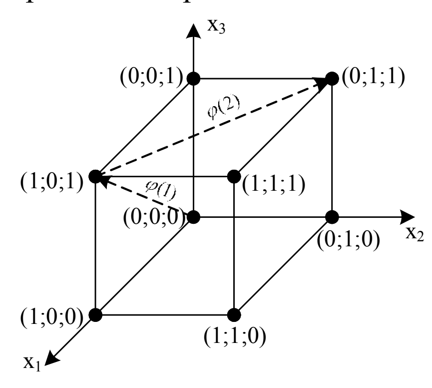


Рисунок 1 – Пример перемещения в пространстве поиска из трёх признаков

Тогда метод оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий для отбора информативных признаков может быть представлен в виде последовательности шагов 1 – 14.

Шаг 1. Инициализация. Задать параметры метода: S, N_{re}, N_s, N_c, N_{ed}, P_{ed}. Случайным образом распределить начальные значения X^i, i = 1, 2, ..., S по пространству поиска. Рассчитать начальные значения целевой функции для каждой бактерии J^i. Для каждой бактерии выполнить пересчёт: $J^i = J^i + J_{ar}(X^i)$.

Шаг 2. Установить: $l = l + 1$.

Шаг 3. Установить: $k = k + 1$.

Шаг 4. Установить: $j = j + 1$.

Шаг 5. Моделирование хемотаксиса.

Шаг 5.1. Установить: $i = i + 1$.

Шаг 5.2. Кувыркание и перемещение.

Создаётся вектор $C(i)$ = rand(0; 1), где rand(0; 1) – случайное действительное число в диапазоне [0; 1].

Генерация вектора случайных чисел $\varphi(j)$ = rand_int(–1; +1), где rand_int(–1; +1) – случайное целое число в диапазоне [–1; +1].

Рассчитывается новое положение i-й бактерии по формуле:

$$X^i(j+1,k,l) = \begin{cases} 1, \text{если } X^i(j,k,l) + C(i)\cdot\varphi(j) \geq 1; \\ round(X^i(j,k,l) + C(i)\cdot\varphi(j)), \text{если } 0 < X^i(j,k,l) + C(i)\cdot\varphi(j) < 1; \\ 0, \text{если } X^i(j,k,l) + C(i)\cdot\varphi(j) \leq 0. \end{cases}$$

Формула расчёта нового положения i-й бактерии учитывает особенности задачи отбора признаков и обеспечивает постоянное нахождение агентов в необходимом пространстве поиска.

Рассчитать значение целевой функции $J(i, j + 1, k, l)$.

Установить: $J(i, j + 1, k, l) = J(i, j + 1, k, l) + J_{ar}(X^i(j + 1, k, l))$.

Если $J(i, j + 1, k, l) < J_{best}$, тогда установить: $J_{best} = J(i, j + 1, k, l)$, $X_{best} = X^i(j + 1, k, l)$.

Шаг 5.3. Скольжение. Пока выполняется условие: $J(i, j+1, k, l) < J(i, j, k, l)$, повторяется шаг 5.2. Такое повторение может повторяться N_s раз. Если условие не выполняется, то переход к шагу 5.4.

Шаг 5.4. Если $i < S$, то переход к шагу 5.1, в противном случае – переход к шагу 6.

Шаг 6. Если $j < N_c$, то переход к шагу 4, в противном случае – переход к шагу 7.

Шаг 7. Воспроизведение. Используется такой же подход, как и в базовом методе оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий: все бактерии сортируются в соответствии с полученными значениями целевой функции, после чего худшая половина бактерий отбрасывается, а лучшая – дублируется.

Шаг 8. Если $k < N_{re}$, то выполняется переход к шагу 3, в противном случае – переход к шагу 9.

Шаг 9. Исключение и рассеивание. Проверяется условие: $U^i < P_{ed}$.

Если данное условие выполняется, то бактерия помещается в позицию $X^i(j, k, l)$, полученную случайным образом.

Шаг 10. Если $l < N_{ed}$, то выполняется переход к шагу 2, в противном случае – к шагу 11.

Шаг 11. Выбирается и сохраняется лучшее решение J_{best} и соответствующая позиция X_{best}.

Шаг 12. Проверка на окончание поиска. Если были выполнены все циклы для всех бактерий, то выполняется переход к шагу 14, в противном случае выполняется перезапуск – переход к шагу 13.

Шаг 13. Перезапуск бактерий: выбираются новые случайные позиции для каждого агента X^i, i = 1, 2, ..., S, рассчитываются соответствующие значения целевой функции J^i, i = 1, 2, ..., S. Счётчики циклов сбрасываются в 0: j = 0, k = 0, l = 0.

Шаг 14. Останов.

Эксперименты и результаты

Разработанный метод отбора признаков на основе моделирования перемещения бактерий был программно реализован на языке пакета Matlab. Для проверки эффективности применения предложенного метода и разработанного программного обеспечения решалась задача отбора информативных признаков для синтеза моделей в задачах диагностики хронического бронхита [20].

Для построения распознающих моделей использовалась экспериментально полученная выборка данных исследований функционально-морфологических свойств лейкоцитов и тромбоцитов, сосудистого фактора, системы комплемента и циркулирующих иммунных комплексов (ЦИК) периферической крови 205 пациентов.

Анализировалось состояние 28 диагностических признаков: x_1 – пол, x_2 – возраст, x_3 – содержание лейкоцитов, в том числе: x_4 – палочкоядерных, x_5 – сегментоядерных, x_6 – эозинофилов, x_7 – моноцитов, x_8 – лимфоцитов, x_9 – фагоцитарное число нейтрофилов, x_{10} – фагоцитарное число моноцитов, x_{11} – фагоцитарный индекс нейтрофилов, x_{12} – фагоцитарный индекс моноцитов, x_{13} – индекс завершенности фагоцитоза нейтрофилов, x_{14} – индекс завершенности фагоцитоза моноцитов, x_{15} – НСТ-тест, отражающий способность нейтрофилов генерировать активные формы кислорода; x_{16} – процент НСТ-положительных нейтрофилов, x_{17} – НСТ-стимулированный – отражает резервные возможности нейтрофилов генерировать активные формы кислорода в условиях их дополнительного стимулирования, x_{18} – процент НСТ-положительных нейтрофилов, реагирующих на стимулирование; x_{19} – количество тромбоцитов, x_{20} – количество зрелых тромбоцитов, x_{21} – количество активных тромбоцитов, x_{22} – уровень комплемент (CH_{50}), x_{23} – уровень ЦИК, осаждаемых 3 % полиэтиленгликолем (ПЭГ), x_{24} – уровень ЦИК, осаждаемых 4 % ПЭГ, x_{25} – размер ЦИК, x_{26} – активность миелопероксидазы нейтрофилов, x_{27} – активность катионных белков нейтрофилов, x_{28} – уровень сосудистого фактора Виллебранда.

Каждому экземпляру выборки было сопоставлено значение целевого параметра – диагноза соответствующего пациента (1 – болен, 0 – не болен).

Выделение комбинации признаков выполнялось с использованием канонической модели генетического поиска и с помощью разработанного метода отбора информативных признаков на основе моделирования перемещения бактерий. Значения параметров работы метода оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий были следующими: $S = 20$; $N_{re} = 4$; $N_s = 4$; $N_c = 20$; $N_{ed} = 2$; $P_{ed} = 0{,}25$; $d_{\text{attract}} = 0{,}1$; $w_{\text{attract}} = 0{,}2$; $h_{\text{repellant}} = d_{attract}$; $w_{\text{repellant}} = 10$.

В качестве целевой функции $J(X)$ использовалась среднеквадратическая ошибка классификации по двухслойной нейросети прямого распространения, синтезированной на основе признаков оцениваемой точки пространства поиска и содержащей 5 нейронов на первом слое и один нейрон на втором слое. Все нейроны имели логсигмоидную функцию активации, а в качестве дискриминантных функций – взвешенные суммы.

В результате экспериментов с помощью разработанного метода на основе моделирования перемещения бактерий было выделено 8 признаков (x_2, x_6, x_9, x_{10}, x_{11}, x_{13}, x_{19}, x_{22}), в то время, как с помощью канонической модели генетического поиска,

было выделено 9 признаков (x_6, x_9, x_{10}, x_{12}, x_{13}, x_{19}, x_{20}, x_{21}, x_{22}). При этом ошибки моделей составили 0,0045 и 0,0063 для разработанного метода и канонической модели генетического поиска соответственно. Время работы методов незначительно отличалось в пользу предложенного метода. Количество циклов обучения составило 3336 и 4200 для метода на основе моделирования перемещения бактерий и канонической модели генетического поиска соответственно.

Значения весовых коэффициентов полученной нейронной сети представлены в табл. 1.

Таблица 1 – Матрица весовых коэффициентов нейросетевой модели

Номер слоя	Номер нейрона в слое	Номер входа нейрона								
		0	1	2	3	4	5	6	7	8
1	1	12,383	–29,38	11,18	13,79	10,35	–7,91	–7,115	29,81	–13,765
	2	–29,77	5,531	–39,11	21,89	21,79	-1,473	–19,89	17,57	39,053
	3	18,821	–5,155	26,798	–20,58	4,1709	24,738	–3,715	7,9964	–49,53
	4	57,701	112,73	–497,4	–174,5	241,16	785,24	–241,8	–422,2	–508,85
	5	16,454	–100,7	–13,24	35,465	43,37	93,237	–17,06	104,71	48,537
2	1	–1677	–1328	433,3	1768	–85,8	1238,7			

Таким образом, можно сделать вывод, что применение метода отбора признаков на основе моделирования перемещения бактерий позволяет получить модель с большей точностью, с меньшим количеством признаков и быстрее по сравнению с классической моделью генетического поиска.

Заключение

В работе решена задача автоматизации отбора информативных признаков для синтеза эффективных моделей исследуемых объектов, процессов и систем с использованием оптимизации на основе моделирования перемещения бактерий.

Научная новизна работы заключается в том, что впервые разработан метод отбора признаков на основе моделирования перемещения бактерий. В разработанном методе учитывается специфика решаемой задачи за счёт применения предложенной стратегии перемещения агентов в пространстве поиска, которая заключается в соответствующем выборе параметров, влияющих на их перемещение, а также в ограничении пространства поиска.

Практическая ценность результатов работы состоит в том, что разработано программное обеспечение, реализующее предложенный метод отбора признаков, а также решена задача выделения информативного набора признаков для синтеза распознающих моделей хронического бронхита.

Исследование выполнено в рамках НИР «Научно-методические основы и математическое обеспечение для автоматизации и моделирования процессов управления и поддержки принятия решений на основе процедур распознавания и эволюционной оптимизации в нейросетевом и нечеткологическом базисах» (№ гос. регистрации 0106U008621).

Литература

1. Beni G., Wang J. Swarm Intelligence // Annual Meeting of the Robotics Society: Proceedings of Seventh International Conference. – Tokyo: RSJ Press, 1989. – P. 425-428.
2. Dorigo M., Maniezzo V., Colorni A. The Ant System: Optimization by a Colony of Cooperating Agents // IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics. – 1996. – Part B, № 26 (1). – P. 29-41.

3. Camazine S., Sneyd J. A Model of Collective Nectar Source by Honey Bees: Self- organization Through Simple Rules // Journal of Theoretical Biology. – 1991. – № 149. – P. 547-571.
4. Kennedy J., Eberhart R.C. Particle Swarm Optimization // Proceedings of the 1995 IEEE International Conference on Neural Networks. – Vol. 4. – NJ: IEEE Press. – 1995. – P. 1942-1948.
5. Liu Y., Passino K.M. Biomimicry of Social Foraging Bacteria for Distributed Optimization: Models, Principles, and Emergent Behaviors // Journal of Optimization Theory and Applications. – 2002. – № 3 (115). – P. 603-628.
6. De Castro L.N., Von Zuben F.J. Artificial Immune Systems. Part I. Basic Theory And Applications. – Technical Report No. Rt Dca 01/99. – Brazil: Feec/Unicamp, 1999. – 95 p.
7. Дубровин В.И., Субботин С.А., Богуслаев А.В., Яценко В.К. Интеллектуальные средства диагностики и прогнозирования надежности авиадвигателей. – Запорожье: ОАО «Мотор-Сич», 2003. – 279 с.
8. Madigam M.T., Martinko J.M., Parker J. Biology of Microorganisms. – New Jersey: Prentice Hall, 1997. – 1036 p.
9. Neidhardt F.C., Ingraham J.L., Schaechter M. Physiology of the Bacterial Cell: A Molecular Approach. – Sunderland: Sinauer Associates, 1990. – 520 p.
10. Alberts B., Bray D., Lewis J., Raff M., Roberts K., Watson J.D. Molecular Biology of the Cell. – New York: Garland Publishing, 1994. – 1408 p.
11. Segall J.E., Block S.M., Berg H.C. Temporal Comparisons in Bacterial Chemotaxis // Proceedings of the National Academy of Sciences. – 1986. – № 83 (23). – P. 8987-8991.
12. Berg H.C. Random Walks in Biology. – Princeton: Princeton University Press, 1993. – 164 p.
13. Woodward D.E., Tyson R., Myerscough M.R., Murray J.D., Budrene E.O., Berg H.C. Spatio-Temporal Patterns Generated by Salmonella Typhimurium // Biophysical Journal. – 1995. – № 68. – P. 2181-2189.
14. Analysis And Design of Intelligent Systems Using Soft Computing Techniques / Eds.: P. Melin, O.R. Castillo, E.G. Ramirez, J. Kacprzyk. – Heidelberg: Springer, 2007. – 855 p.
15. Passino K.M. Biomimicry of Bacterial Foraging for Distributed Optimization and Control // IEEE Control System Magazine. – 2002. – № 3 (22). – P. 52-67.
16. Tripathy M., Mishra S., Lai L.L., Zhang Q.P. Transmission Loss Reduction Based on FACTS and Bacteria Foraging Algorithm // Proceedings of 9th International Conference of Parallel Problem Solving from Nature. – Heidelberg: Springer. – 2006. – P. 222-231.
17. Mishra S. A Hybrid Least Square-fuzzy Bacterial Foraging Strategy for Harmonic Estimation // IEEE Transactions on Evolutionary Computation. – 2005. – № 1 (9). – P. 61-73.
18. Kim D.H., Cho C.H. Bacterial Foraging Based Neural Network Fuzzy Learning // Proceedings of the 2nd Indian International Conference on Artificial Intelligence (IICAI-2005). – Pune: IICAI. – 2005. – P. 2030-2036.
19. Kim D.H., Abraham A., Cho J.H. A Hybrid Genetic Algorithm and Bacterial Foraging Approach for Global Optimization // Information Sciences. – 2007. – № 18 (177). – P. 3918-3937.
20. Субботин С.А., Афонин Ю.А., Колесник Н.В. Нейросетевое моделирование в выяснении патогенеза перманентного прогрессирующего воспалительного процесса при хроническом обструктивном бронхите // Моделирование неравновесных систем: Материалы VII Всероссийского семинара, 8 – 10 октября 2004 г. / Под ред. В.И. Быкова. Отв. за выпуск М.Ю. Сенашова. – Красноярск: ИВМ СО РАН. – 2004. – С. 158-159.

О.О. Олійник, С.О. Субботін

Метод оптимізації на основі моделювання переміщення бактерій для вирішення задачі відбору інформативних ознак при побудови розпізнаючих моделей

Вирішено завдання автоматизації пошуку найбільш інформативної комбінації ознак. Запропоновано метод відбору інформативних ознак на основі моделювання переміщення бактерій. Проведено експерименти по виділенню набору інформативних ознак для синтезу розпізнаючих моделей хронічного бронхіту.

A.A. Oleynik, S.A. Subbotin

Bacteria Foraging Optimization for Feature Selection for Recognizing Models Construction

The automation of feature selection problem is solved. The feature selection method based on bacteria foraging optimization is proposed. Experiments on allocation of informative feature set for recognizing models of chronic bronchitis synthesis are lead.

Статья поступила в редакцию 16.10.2008.